

Tyrosine kinase phosphorylation sites

Number of matches: 2

- 1 610-617 RWCEYIMY (SEQ ID NO: 738)
- 2 644-652 RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 739)

N-myristoylation sites

Number of matches: 7

- 1 79-84 GSIASF (SEQ ID NO: 740)
- 2 99-104 GVSSSL (SEQ ID NO: 741)
- 3 199-204 GAAFGS (SEQ ID NO: 742)
- 4 268-273 GTASAA (SEQ ID NO: 743)
- 5 287-292 GCVFAI (SEQ ID NO: 744)
- 6 309-314 GTNPGK (SEQ ID NO: 745)
- 7 341-346 GGVYAR (SEQ ID NO: 746)

---

**REMARKS**

Prior to a first Office Action in this application, Applicants request that the specification be amended as indicated above to introduce identification of SEQ ID NOS, and that the application be amended to enter the Sequence Listing submitted herewith. Applicants state that the contents of the paper and computer readable forms of the Sequence Listing submitted herewith are the same, and a Statement in accordance with 37 CFR § 1.821(f) is submitted herewith. These amendments do not introduce any new matter or objectionable changes. Entry of these amendments is respectfully requested.

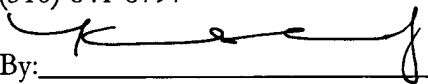
It is submitted that this application is now in good order for allowance and such allowance is respectfully solicited. Should the Examiner believe minor matters still remain that can be resolved in a telephone interview, the Examiner is urged to call Applicants' undersigned attorney.

Respectfully submitted,

GATES & COOPER LLP  
Attorneys for Applicant(s)

6701 Center Drive West, Suite 1050  
Los Angeles, California 90045  
(310) 641-8797

Date: July 30, 2001

By: 

Name: Karen S. Canady  
Reg. No.: 39,927

KSC/sjm  
G&C 129.35-US-01



## APPENDIX: CLAIMS IN MARKED-UP FORM

Please replace the paragraphs at page 3, lines 11-18, with the following paragraphs:

Figure 1. 125P5C8 SSH sequence (SEQ ID NO: 3). The SSH experiment was performed with cDNA digested with DPN II. The 125P5C8 sequence contains 287 bp.

Figure 2. The cDNA (SEQ ID NO: 1) and amino acid (SEQ ID NO: 2) sequence of 125P5C8.

Figure 3. The amino acid sequence (SEQ ID NO: 2) encoded by the open reading frame of the nucleic acid sequence set forth in Figure 2.

Figure 4A-B. Alignment of 125P5C8 (SEQ ID NO: 2) with AK025164 (SEQ ID NO: 4; Figure 4A) and the yeast protein YCR017 (SEQ ID NO: 5; Figure 4B) using the BLAST function (NCBI).

Please replace the paragraphs at page 75, line 10 through page 97, line 2 (Tables V-XIX), with the following paragraphs:

Table V: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A1 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	41	GLEGFSIAF ( <u>SEQ ID NO: 15</u> )	45.000
2	635	DSEIQMAKF ( <u>SEQ ID NO: 16</u> )	27.000
3	490	YTDFGPSTR ( <u>SEQ ID NO: 17</u> )	12.500
4	371	NLDLLLQTK ( <u>SEQ ID NO: 18</u> )	10.000
5	583	TSAPGSRDY ( <u>SEQ ID NO: 19</u> )	7.500
6	514	KSEHHLLPS ( <u>SEQ ID NO: 20</u> )	6.750
7	231	GPDPNPFGG ( <u>SEQ ID NO: 21</u> )	6.250
8	22	YHDLGPMIY ( <u>SEQ ID NO: 22</u> )	6.250
9	602	DIDSTDHDR ( <u>SEQ ID NO: 23</u> )	5.000
10	541	LVDFVVTHF ( <u>SEQ ID NO: 24</u> )	5.000
11	213	FGEVSLVSR ( <u>SEQ ID NO: 25</u> )	4.500
12	36	TLELTGLEG ( <u>SEQ ID NO: 26</u> )	4.500
13	249	LMLPSCLWF ( <u>SEQ ID NO: 27</u> )	2.500

14	269	TASAAGLLY (SEQ ID NO: 28)	2.500
15	132	VLVVLRIWY (SEQ ID NO: 29)	2.500
16	431	AIWPFRFGY (SEQ ID NO: 30)	2.500
17	24	DLGPMIYYF (SEQ ID NO: 31)	2.000
18	611	WCEYIMYRG (SEQ ID NO: 32)	1.800
19	466	ESDASKPYM (SEQ ID NO: 33)	1.500
20	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 34)	1.350
21	315	TMTIAMIFY (SEQ ID NO: 35)	1.250
22	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 36)	1.250
23	645	IPDDPTNYR (SEQ ID NO: 37)	1.250
24	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 38)	1.000
25	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 39)	1.000
26	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 40)	1.000
27	9	LLESLLGCV (SEQ ID NO: 41)	0.900
28	324	LLEIFFCAW (SEQ ID NO: 42)	0.900
29	551	NHEDDLDRK (SEQ ID NO: 43)	0.900
30	630	HAELSDSEI (SEQ ID NO: 44)	0.900
31	159	LSAIATLDR (SEQ ID NO: 45)	0.750
32	141	TSLNPIWSY (SEQ ID NO: 46)	0.750
33	348	RSDVLLGTM (SEQ ID NO: 47)	0.750
34	112	WSGSHLQRY (SEQ ID NO: 48)	0.750
35	633	LSDSEIQMA (SEQ ID NO: 49)	0.750
36	573	SNQVIFLGY (SEQ ID NO: 50)	0.625
37	358	LIIGLNMLF (SEQ ID NO: 51)	0.500
38	49	FLSPIFLTI (SEQ ID NO: 52)	0.500
39	429	SAAIWPFRR (SEQ ID NO: 53)	0.500
40	644	RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 54)	0.500
41	407	GLGLRHKAY (SEQ ID NO: 55)	0.500
42	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 56)	0.500
43	614	YIMYRGLIR (SEQ ID NO: 57)	0.500
44	76	ITIGSIASF (SEQ ID NO: 58)	0.500
45	199	GAAFGSLVF (SEQ ID NO: 59)	0.500
46	594	LTEHGNVKD (SEQ ID NO: 60)	0.450
47	524	EGEIAPAIT (SEQ ID NO: 61)	0.450
48	522	SPEGEIAPA (SEQ ID NO: 62)	0.450
49	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 63)	0.400
50	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 64)	0.400

Table VI: HLA Peptide Scoring Results- 125P5C8 – A1 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	633	LSDSEIQMAK (SEQ ID NO: 65)	75.000
2	605	STDHDRWCEY (SEQ ID NO: 66)	62.500

3	490	YTDFGPSTRY (SEQ ID NO: 67)	62.500
4	464	ILES DASKPY (SEQ ID NO: 68)	45.000
5	635	DSEIQMAKFR (SEQ ID NO: 69)	13.500
6	440	DNEGWSSLER (SEQ ID NO: 70)	11.250
7	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 71)	10.000
8	36	TLELTGLEGF (SEQ ID NO: 72)	9.000
9	22	YHDLGPMIYY (SEQ ID NO: 73)	6.250
10	268	GTASAAGLLY (SEQ ID NO: 74)	6.250
11	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 75)	6.250
12	572	SSNQVIFLGY (SEQ ID NO: 76)	3.750
13	171	DGDCSKPEEK (SEQ ID NO: 77)	2.500
14	430	AAIWPFREFY (SEQ ID NO: 78)	2.500
15	131	IVLVVLRIWY (SEQ ID NO: 79)	2.500
16	458	GADFITLES (SEQ ID NO: 80)	2.500
17	662	HREVSEKIHf (SEQ ID NO: 81)	2.250
18	594	LTEHGNVKDI (SEQ ID NO: 82)	2.250
19	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 83)	1.800
20	324	LLEIFFCAWC (SEQ ID NO: 84)	1.800
21	466	ESDASKPYMG (SEQ ID NO: 85)	1.500
22	665	VSEKIHFNPR (SEQ ID NO: 86)	1.350
23	140	YTSLNPIWSY (SEQ ID NO: 87)	1.250
24	309	GTNPGKTMTI (SEQ ID NO: 88)	1.250
25	582	ITSAPGSRDY (SEQ ID NO: 89)	1.250
26	231	GPDPNPFGBA (SEQ ID NO: 90)	1.250
27	524	EGEIPAITL (SEQ ID NO: 91)	1.125
28	182	TGEVATGMAS (SEQ ID NO: 92)	1.125
29	454	LNETGADFIT (SEQ ID NO: 93)	1.125
30	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 94)	1.000
31	505	MALSRYPIVK (SEQ ID NO: 95)	1.000
32	561	QAIAVSKLLK (SEQ ID NO: 96)	1.000
33	462	ITILES DASK (SEQ ID NO: 97)	1.000
34	9	LLESLLGCVS (SEQ ID NO: 98)	0.900
35	630	HAELSDSEIQ (SEQ ID NO: 99)	0.900
36	611	WCEYIMYRGL (SEQ ID NO: 100)	0.900
37	428	VSAAIWPFREF (SEQ ID NO: 101)	0.750
38	348	RSDVLLGTMM (SEQ ID NO: 102)	0.750
39	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 103)	0.675
40	329	FCAWCTAFKF (SEQ ID NO: 104)	0.500
41	541	LVDFVVTHFG (SEQ ID NO: 105)	0.500
42	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 106)	0.500
43	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 107)	0.500
44	320	MIFYLLEIFF (SEQ ID NO: 108)	0.500
45	13	LLGCVSWSLY (SEQ ID NO: 109)	0.500

46	371	NLDLLLQTKN (SEQ ID NO: 110)	0.500
47	56	TITPFWKLVN (SEQ ID NO: 111)	0.500
48	526	EIAPAITLTV (SEQ ID NO: 112)	0.500
49	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 113)	0.500
50	357	MLIIGLNMLF (SEQ ID NO: 114)	0.500

Table VII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 – A2 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	323	YLLEIFFCA (SEQ ID NO: 115)	3820.380
2	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 116)	560.763
3	204	SLVFLTHWV (SEQ ID NO: 117)	382.536
4	126	FILGQIVLV (SEQ ID NO: 118)	374.369
5	277	YLHTWAAAV (SEQ ID NO: 119)	319.939
6	8	ILLESLLGC (SEQ ID NO: 120)	294.675
7	13	LLGCVSWSL (SEQ ID NO: 121)	272.371
8	92	RLMVLALGV (SEQ ID NO: 122)	257.342
9	211	WVFGEVSLV (SEQ ID NO: 123)	238.235
10	275	LLYLHTWAA (SEQ ID NO: 124)	202.694
11	615	IMYRGLIRL (SEQ ID NO: 125)	193.040
12	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 126)	177.308
13	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 127)	162.824
14	351	VLLGTMMMLI (SEQ ID NO: 128)	150.931
15	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 129)	134.369
16	241	VLLCLASGL (SEQ ID NO: 130)	134.369
17	127	ILGQIVLVV (SEQ ID NO: 131)	111.499
18	398	WLLVGVGLL (SEQ ID NO: 132)	108.713
19	133	LVVLRIWYT (SEQ ID NO: 133)	105.168
20	274	GLLYLHTWA (SEQ ID NO: 134)	101.099
21	49	FLSPIFLT I (SEQ ID NO: 135)	91.183
22	188	GMASRPNWL (SEQ ID NO: 136)	84.856
23	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 137)	83.527
24	56	TITPFWKLV (SEQ ID NO: 138)	61.780
25	258	RGTGLIWWV (SEQ ID NO: 139)	43.075
26	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 140)	37.007
27	68	WMLTLLRII (SEQ ID NO: 141)	24.186
28	356	MMLIIGLNM (SEQ ID NO: 142)	22.569
29	216	VSLVSRWAV (SEQ ID NO: 143)	21.418
30	28	MIYYFPLQT (SEQ ID NO: 144)	21.182
31	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 145)	17.760
32	319	AMIFYLLEI (SEQ ID NO: 146)	17.330
33	261	GLIWWVTGT (SEQ ID NO: 147)	17.140
34	352	LLGTMMMLII (SEQ ID NO: 148)	16.725

35	473	YMGNNDLTM (SEQ ID NO: 149)	16.505
36	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 150)	15.114
37	200	AAFGSLVFL (SEQ ID NO: 151)	13.887
38	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 152)	13.070
39	504	IMALSRYPI (SEQ ID NO: 153)	12.809
40	156	ILTLSAIAT (SEQ ID NO: 154)	12.668
41	150	QMSNKVILT (SEQ ID NO: 155)	12.379
42	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 156)	12.178
43	376	LQTKNSSKV (SEQ ID NO: 157)	11.988
44	97	ALGVSSSLI (SEQ ID NO: 158)	10.433
45	47	IAFLSPIFL (SEQ ID NO: 159)	10.264
46	540	KLVDVVTTH (SEQ ID NO: 160)	9.346
47	42	LEGFSIAFL (SEQ ID NO: 161)	8.933
48	560	LQAIAVSKL (SEQ ID NO: 162)	8.469
49	34	LQTLELTGL (SEQ ID NO: 163)	8.469
50	154	KVILTLIAI (SEQ ID NO: 164)	7.349

Table VIII: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A2 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	482	WLGEKLGFTY (SEQ ID NO: 165)	4483.377
2	394	KLFLWLLGVV (SEQ ID NO: 166)	2071.606
3	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 167)	1400.305
4	132	VLVVLRIWYT (SEQ ID NO: 168)	1201.914
5	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 169)	1131.982
6	567	KLLKSSSNQV (SEQ ID NO: 170)	900.698
7	396	FLWLLVGVGL (SEQ ID NO: 171)	815.616
8	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 172)	592.807
9	8	ILLESLLGCV (SEQ ID NO: 173)	536.309
10	356	MMLIIGLNML (SEQ ID NO: 174)	223.203
11	453	LLNETGADFI (SEQ ID NO: 175)	195.971
12	559	KLQAIAVSKL (SEQ ID NO: 176)	171.967
13	384	VLFRKSEKYM (SEQ ID NO: 177)	171.868
14	126	FILGQIVLVV (SEQ ID NO: 178)	153.491
15	274	GLLYLHTWAA (SEQ ID NO: 179)	137.862
16	49	FLSPIFLTIT (SEQ ID NO: 180)	122.836
17	375	LLQTKNSSKV (SEQ ID NO: 181)	118.238
18	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 182)	115.713
19	614	YIMYRGLIRL (SEQ ID NO: 183)	114.985
20	330	CAWCTAFKFV (SEQ ID NO: 184)	83.786
21	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 185)	83.527
22	156	ILTLSAIATL (SEQ ID NO: 186)	83.527
23	207	FLTHWVFGEV (SEQ ID NO: 187)	79.025

24	351	VLLGTMMMLII (SEQ ID NO: 188)	61.882
25	536	NISGKLVDFV (SEQ ID NO: 189)	59.279
26	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 190)	57.085
27	504	IMALSRYPIV (SEQ ID NO: 191)	52.518
28	275	LLYLHTWAAA (SEQ ID NO: 192)	45.944
29	62	KLVNKKWMLT (SEQ ID NO: 193)	44.339
30	591	YLQLTEHGNV (SEQ ID NO: 194)	41.592
31	69	MLTLLRIITI (SEQ ID NO: 195)	40.792
32	296	SMWPQTLGHL (SEQ ID NO: 196)	38.289
33	68	WMLTLLRIIT (SEQ ID NO: 197)	37.557
34	323	YLLEIFFCAW (SEQ ID NO: 198)	37.545
35	28	MIYYFPLQTL (SEQ ID NO: 199)	36.752
36	242	LLCLASGLML (SEQ ID NO: 200)	36.316
37	95	VLALGVSSSL (SEQ ID NO: 201)	36.316
38	150	QMSNKVILT (SEQ ID NO: 202)	35.485
39	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 203)	34.246
40	20	SLYHDLGPMI (SEQ ID NO: 204)	33.385
41	149	YQMSNKVILT (SEQ ID NO: 205)	29.577
42	97	ALGVSSSLIV (SEQ ID NO: 206)	28.516
43	137	RIWYTSLNPI (SEQ ID NO: 207)	27.385
44	342	GVYARERSDV (SEQ ID NO: 208)	19.475
45	134	VVLRIWYTSL (SEQ ID NO: 209)	17.636
46	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 210)	17.295
47	46	SIAFLSPIFL (SEQ ID NO: 211)	16.155
48	619	GLIRLG YARI (SEQ ID NO: 212)	15.649
49	392	YMKLFLWLLV (SEQ ID NO: 213)	13.748
50	355	TMMLIIGLNM (SEQ ID NO: 214)	13.276

Table IX: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A3 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	506	ALSRYPVK (SEQ ID NO: 215)	120.000
2	418	KLGKVAPTK (SEQ ID NO: 216)	90.000
3	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 217)	90.000
4	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 218)	60.000
5	619	GLIRLG YAR (SEQ ID NO: 219)	54.000
6	361	GLNMLFGPK (SEQ ID NO: 220)	54.000
7	41	GLEGFSIAF (SEQ ID NO: 221)	54.000
8	409	GLRHKAYER (SEQ ID NO: 222)	36.000
9	371	NLDLLQTK (SEQ ID NO: 223)	30.000
10	532	TLTVNISGK (SEQ ID NO: 224)	30.000
11	593	QLTEHGNVK (SEQ ID NO: 225)	30.000
12	431	AIWPFREFGY (SEQ ID NO: 226)	27.000



13	384	VLFRKSEKY (SEQ ID NO: 227)	20.000
14	375	LLQTKNSSK (SEQ ID NO: 228)	20.000
15	250	MLPSCLWFR (SEQ ID NO: 229)	18.000
16	315	TMTIAMIFY (SEQ ID NO: 230)	12.000
17	132	VLVVLRIWY (SEQ ID NO: 231)	12.000
18	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 232)	10.800
19	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 233)	9.000
20	615	IMYRGLIRL (SEQ ID NO: 234)	9.000
21	249	LMLPSCLWF (SEQ ID NO: 235)	9.000
22	383	KVLFRKSEK (SEQ ID NO: 236)	9.000
23	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 237)	8.100
24	319	AMIFYLLEI (SEQ ID NO: 238)	8.100
25	540	KLVDVVTTH (SEQ ID NO: 239)	8.100
26	478	DLTMWLGEK (SEQ ID NO: 240)	8.100
27	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 241)	8.100
28	49	FLSPIFLTI (SEQ ID NO: 242)	8.100
29	323	YLLEIFFCA (SEQ ID NO: 243)	6.075
30	407	GLGLRHKAY (SEQ ID NO: 244)	6.000
31	338	FVPGGVYAR (SEQ ID NO: 245)	5.400
32	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 246)	5.400
33	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 247)	4.500
34	24	DLGPMIYYF (SEQ ID NO: 248)	4.050
35	351	VLLGTMMLI (SEQ ID NO: 249)	4.050
36	261	GLIWWVTGT (SEQ ID NO: 250)	4.050
37	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 251)	4.000
38	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 252)	3.375
39	275	LLYLHTWAA (SEQ ID NO: 253)	3.000
40	453	LLNETGADF (SEQ ID NO: 254)	3.000
41	205	LVFLTHWVF (SEQ ID NO: 255)	3.000
42	405	LLGLGLRHK (SEQ ID NO: 256)	3.000
43	296	SMWPQTLGH (SEQ ID NO: 257)	3.000
44	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 258)	3.000
45	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 259)	2.700
46	404	GLLGLGLRH (SEQ ID NO: 260)	2.700
47	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 261)	2.700
48	13	LLGCVSWSL (SEQ ID NO: 262)	2.700
49	394	KLFLWLLVG (SEQ ID NO: 263)	2.700
50	188	GMASRPNWL (SEQ ID NO: 264)	1.800

**Table X: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A3 10-mers**

Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	361	GLNMLFGPKK (SEQ ID NO: 265)	180.000

2	409	GLRHKAYERK (SEQ ID NO: 266)	60.000
3	540	KLVDVFWTHF (SEQ ID NO: 267)	40.500
4	249	LMLPSCLWFR (SEQ ID NO: 268)	40.500
5	374	LLLQTKNSSK (SEQ ID NO: 269)	30.000
6	404	GLLGLGLRHK (SEQ ID NO: 270)	20.250
7	480	TMWLGEKLGf (SEQ ID NO: 271)	20.000
8	248	GLMLPSCLWF (SEQ ID NO: 272)	18.000
9	204	SLVFLTHWVF (SEQ ID NO: 273)	9.000
10	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 274)	8.100
11	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 275)	8.100
12	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 276)	8.000
13	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 277)	6.075
14	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 278)	6.000
15	357	MLIIGLNMLF (SEQ ID NO: 279)	6.000
16	559	KLQAIASVKL (SEQ ID NO: 280)	5.400
17	394	KLFLWLLVGV (SEQ ID NO: 281)	4.500
18	396	FLWLLVGVGL (SEQ ID NO: 282)	4.500
19	319	AMIFYLLEIF (SEQ ID NO: 283)	4.500
20	351	VLLGTMMMLI (SEQ ID NO: 284)	4.050
21	323	YLLEIFFCAW (SEQ ID NO: 285)	4.050
22	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 286)	4.050
23	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 287)	4.050
24	13	LLGCVSWSLY (SEQ ID NO: 288)	4.000
25	20	SLYHDLGPMI (SEQ ID NO: 289)	3.000
26	452	HLLNETGADF (SEQ ID NO: 290)	3.000
27	500	HTWGIMALSR (SEQ ID NO: 291)	3.000
28	36	TLELTGLEGF (SEQ ID NO: 292)	3.000
29	58	TPFWKLVNKK (SEQ ID NO: 293)	3.000
30	150	QMSNKVILTL (SEQ ID NO: 294)	2.700
31	619	GLIRLGARI (SEQ ID NO: 295)	2.700
32	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 296)	2.700
33	142	SLNPIWSYQM (SEQ ID NO: 297)	2.700
34	274	GLLYLHTWAA (SEQ ID NO: 298)	2.700
35	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 299)	2.700
36	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 300)	2.250
37	296	SMWPQTLGHL (SEQ ID NO: 301)	2.025
38	167	RIGTDGDCK (SEQ ID NO: 302)	2.000
39	464	ILESASKPY (SEQ ID NO: 303)	2.000
40	320	MIFYLLEIFF (SEQ ID NO: 304)	2.000
41	305	LINSGTNPGK (SEQ ID NO: 305)	2.000
42	383	KVLFKSEKY (SEQ ID NO: 306)	1.800
43	505	MALSRPIVK (SEQ ID NO: 307)	1.800
44	69	MLTLRLITI (SEQ ID NO: 308)	1.800

45	145	PIWSYQMSNK (SEQ ID NO: 309)	1.500
46	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 310)	1.500
47	462	ITILESDASK (SEQ ID NO: 311)	1.500
48	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 312)	1.350
49	284	AVSGCVFAIF (SEQ ID NO: 313)	1.350
50	140	YTSLNPIWSY (SEQ ID NO: 314)	1.350

Table XI: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A11 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	383	KVLFKSEK (SEQ ID NO: 315)	9.000
2	413	KAYERKLGK (SEQ ID NO: 316)	2.400
3	54	FLTITPFWK (SEQ ID NO: 317)	1.200
4	418	KLGKVAPTK (SEQ ID NO: 318)	1.200
5	361	GLNMLFGPK (SEQ ID NO: 319)	1.200
6	559	KLQAIIVSK (SEQ ID NO: 320)	1.200
7	506	ALSRYPIVK (SEQ ID NO: 321)	0.800
8	562	AIAVSKLLK (SEQ ID NO: 322)	0.800
9	338	FVPGGVYAR (SEQ ID NO: 323)	0.800
10	619	GLIRLGAR (SEQ ID NO: 324)	0.720
11	463	TILESDASK (SEQ ID NO: 325)	0.600
12	129	GQIVLVVLR (SEQ ID NO: 326)	0.540
13	409	GLRHKAYER (SEQ ID NO: 327)	0.480
14	371	NLDLLQTK (SEQ ID NO: 328)	0.400
15	532	TLTVNISGK (SEQ ID NO: 329)	0.400
16	375	LLQTKNSSK (SEQ ID NO: 330)	0.400
17	58	TPFWKLVNK (SEQ ID NO: 331)	0.400
18	593	QLTEHGNVK (SEQ ID NO: 332)	0.400
19	614	YIMYRGLIR (SEQ ID NO: 333)	0.320
20	329	FCAWCTAFK (SEQ ID NO: 334)	0.200
21	490	YTDGFPSTR (SEQ ID NO: 335)	0.200
22	250	MLPSCLWFR (SEQ ID NO: 336)	0.160
23	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 337)	0.120
24	402	GVGLLGLGL (SEQ ID NO: 338)	0.120
25	655	NQKVVIDHR (SEQ ID NO: 339)	0.120
26	478	DLTMWLGEK (SEQ ID NO: 340)	0.120
27	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 341)	0.120
28	184	EVATGMASR (SEQ ID NO: 342)	0.120
29	649	PTNYRDNQK (SEQ ID NO: 343)	0.100
30	154	KVILTLIAI (SEQ ID NO: 344)	0.090
31	581	YITSAPGSR (SEQ ID NO: 345)	0.080
32	362	LNMLFGPKK (SEQ ID NO: 346)	0.080
33	205	LVFLTHWVF (SEQ ID NO: 347)	0.080

34	380	NSSKVLFRK (SEQ ID NO: 348)	0.060
35	172	GDCSKPEEK (SEQ ID NO: 349)	0.060
36	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 350)	0.060
37	84	FQAPNAKLR (SEQ ID NO: 351)	0.060
38	173	DCSKPEEKK (SEQ ID NO: 352)	0.060
39	550	GNHEDDLDR (SEQ ID NO: 353)	0.048
40	66	KKWMLTLLR (SEQ ID NO: 354)	0.048
41	379	KNSSKVLFR (SEQ ID NO: 355)	0.048
42	92	RLMVLALGV (SEQ ID NO: 356)	0.048
43	391	KYMKLFLWL (SEQ ID NO: 357)	0.048
44	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 358)	0.045
45	688	HHFHMNTPK (SEQ ID NO: 359)	0.040
46	386	FRKSEKYMK (SEQ ID NO: 360)	0.040
47	671	FNPRFGSYK (SEQ ID NO: 361)	0.040
48	405	LLGLGLRHK (SEQ ID NO: 362)	0.040
49	400	LVGVGLLGL (SEQ ID NO: 363)	0.040
50	306	INSGTNPGK (SEQ ID NO: 364)	0.040

Table XII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A11 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	462	ITILES DASK (SEQ ID NO: 365)	1.500
2	531	ITLTVNISGK (SEQ ID NO: 366)	1.500
3	409	GLRHKAYERK (SEQ ID NO: 367)	1.200
4	361	GLNMLFGPKK (SEQ ID NO: 368)	1.200
5	402	GVGLLGLGLR (SEQ ID NO: 369)	1.200
6	167	RIGTDGDCSK (SEQ ID NO: 370)	1.200
7	57	ITPFWKLVNK (SEQ ID NO: 371)	1.000
8	53	IFLTITPFWK (SEQ ID NO: 372)	0.900
9	592	LQLTEHGNVK (SEQ ID NO: 373)	0.900
10	500	HTWGIMALSR (SEQ ID NO: 374)	0.800
11	374	LLLQTKNSSK (SEQ ID NO: 375)	0.600
12	561	QAIASVKLLK (SEQ ID NO: 376)	0.600
13	505	MALSRYPVK (SEQ ID NO: 377)	0.600
14	305	LINSGTNPGK (SEQ ID NO: 378)	0.400
15	58	TPFWKLVNKK (SEQ ID NO: 379)	0.400
16	659	VIDHREVSEK (SEQ ID NO: 380)	0.400
17	385	LFRKSEKYMK (SEQ ID NO: 381)	0.400
18	379	KNSSKVLFRK (SEQ ID NO: 382)	0.360
19	337	KFVPGGVYAR (SEQ ID NO: 383)	0.360
20	580	GYITSAPGSR (SEQ ID NO: 384)	0.360
21	249	LMLPSCLWFR (SEQ ID NO: 385)	0.240
22	644	RIPDDPTNYR (SEQ ID NO: 386)	0.240

23	670	HFNPRFGSYK (SEQ ID NO: 387)	0.200
24	328	FFCAWCTAFK (SEQ ID NO: 388)	0.200
25	81	IASFQAPNAK (SEQ ID NO: 389)	0.200
26	370	KNLDLLLQTK (SEQ ID NO: 390)	0.180
27	404	GLLGLGLRHK (SEQ ID NO: 391)	0.180
28	158	TLSAIATLDR (SEQ ID NO: 392)	0.160
29	550	GNHEDDLDRK (SEQ ID NO: 393)	0.120
30	342	GVYARERSDV (SEQ ID NO: 394)	0.120
31	427	EVSAAIWPFR (SEQ ID NO: 395)	0.120
32	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 396)	0.120
33	558	RKLQAIIVSK (SEQ ID NO: 397)	0.090
34	417	RKLGKVAPTK (SEQ ID NO: 398)	0.090
35	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 399)	0.090
36	154	KVILTLSAIA (SEQ ID NO: 400)	0.090
37	145	PIWSYQMSNK (SEQ ID NO: 401)	0.080
38	489	FYTDFGPSTR (SEQ ID NO: 402)	0.080
39	613	EYIMYRGLIR (SEQ ID NO: 403)	0.072
40	172	GDCSKPEEKK (SEQ ID NO: 404)	0.060
41	268	GTASAAGLLY (SEQ ID NO: 405)	0.060
42	421	KVAPTKEVSA (SEQ ID NO: 406)	0.060
43	131	IVLVVLRWY (SEQ ID NO: 407)	0.060
44	648	DPTNYRDNQK (SEQ ID NO: 408)	0.060
45	99	GVSSSLIVQA (SEQ ID NO: 409)	0.060
46	309	GTNPGKTMTI (SEQ ID NO: 410)	0.060
47	129	GQIVLVVLR (SEQ ID NO: 411)	0.054
48	119	RYLRIWGFIL (SEQ ID NO: 412)	0.054
49	183	GEVATGMASR (SEQ ID NO: 413)	0.054
50	248	GLMLPSCLWF (SEQ ID NO: 414)	0.048

Table XIII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 A24 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	391	KYMKLFLWL (SEQ ID NO: 415)	864.000
2	29	IYYFPLQTL (SEQ ID NO: 416)	240.000
3	119	RYLRIWGFI (SEQ ID NO: 417)	210.000
4	148	SYQMSNKVI (SEQ ID NO: 418)	75.000
5	613	EYIMYRGLI (SEQ ID NO: 419)	75.000
6	21	LYHDLGPMI (SEQ ID NO: 420)	72.000
7	31	YFPLQTLEL (SEQ ID NO: 421)	33.000
8	83	SFQAPNAKL (SEQ ID NO: 422)	33.000
9	125	GFILGQIVL (SEQ ID NO: 423)	30.000
10	548	HFGNHEDDL (SEQ ID NO: 424)	20.000
11	62	KLVNKKWML (SEQ ID NO: 425)	12.000

12	321	IFYLLEIFF (SEQ ID NO: 426)	12.000
13	328	FFCAWCTAF (SEQ ID NO: 427)	10.000
14	498	RYHTWGIMA (SEQ ID NO: 428)	10.000
15	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 429)	9.600
16	533	LTVNISGKL (SEQ ID NO: 430)	9.240
17	475	GNNDLTMWL (SEQ ID NO: 431)	8.640
18	314	KTMTIAMIF (SEQ ID NO: 432)	8.400
19	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 433)	8.400
20	151	MSNKVILT (SEQ ID NO: 434)	8.400
21	397	LWLLVGVGL (SEQ ID NO: 435)	8.400
22	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 436)	8.400
23	128	LGQIVLVVL (SEQ ID NO: 437)	8.400
24	414	AYERKLGKV (SEQ ID NO: 438)	8.250
25	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 439)	8.000
26	55	LTITPFWKL (SEQ ID NO: 440)	7.920
27	479	LTMWLGEKL (SEQ ID NO: 441)	7.920
28	276	LYLHTWAAA (SEQ ID NO: 442)	7.500
29	580	GYITSAPGS (SEQ ID NO: 443)	7.500
30	322	FYLLEIFFC (SEQ ID NO: 444)	7.500
31	247	SGLMLPSCL (SEQ ID NO: 445)	7.200
32	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 446)	7.200
33	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 447)	7.200
34	241	VLLCLASGL (SEQ ID NO: 448)	7.200
35	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 449)	7.200
36	317	TIAMIFYLL (SEQ ID NO: 450)	6.720
37	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 451)	6.000
38	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 452)	6.000
39	584	SAPGSRDYL (SEQ ID NO: 453)	6.000
40	243	LCLASGLML (SEQ ID NO: 454)	6.000
41	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 455)	6.000
42	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 456)	6.000
43	297	MWPQTLGHL (SEQ ID NO: 457)	6.000
44	366	FGPKKNLDL (SEQ ID NO: 458)	6.000
45	157	LTLAIATL (SEQ ID NO: 459)	6.000
46	350	DVLLGTMMML (SEQ ID NO: 460)	6.000
47	489	FYTDFGPST (SEQ ID NO: 461)	6.000
48	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 462)	6.000
49	210	HWVFGEVSL (SEQ ID NO: 463)	6.000
50	139	WYTSLNPIW (SEQ ID NO: 464)	6.000

Table XIV: HLA Peptide Scoring Results - 125P5C8 A24 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	391	KYMKLFLWLL (SEQ ID NO: 465)	600.000
2	119	RYLRIWGFIL (SEQ ID NO: 466)	600.000
3	498	RYHTWGIMAL (SEQ ID NO: 467)	400.000
4	148	SYQMSNKVIL (SEQ ID NO: 468)	300.000
5	30	YYFPLQLEL (SEQ ID NO: 469)	264.000
6	624	GYARISHAEL (SEQ ID NO: 470)	220.000
7	343	VYARERSDVL (SEQ ID NO: 471)	200.000
8	438	GYDNEGWSSL (SEQ ID NO: 472)	200.000
9	651	NYRDNQKVVI (SEQ ID NO: 473)	60.000
10	683	NYENNHFFHM (SEQ ID NO: 474)	37.500
11	365	LFGPKKNLDL (SEQ ID NO: 475)	24.000
12	559	KLQAIASVSKL (SEQ ID NO: 476)	13.200
13	322	FYLLEIFFCA (SEQ ID NO: 477)	12.600
14	48	AFLSPIFLTl (SEQ ID NO: 478)	12.600
15	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 479)	12.000
16	316	MTIAMIFYLL (SEQ ID NO: 480)	10.080
17	540	KLVDVFTVTHF (SEQ ID NO: 481)	10.080
18	689	HFHMNTPKYF (SEQ ID NO: 482)	10.000
19	327	IFFCAWCTAF (SEQ ID NO: 483)	10.000
20	414	AYERKLGKVA (SEQ ID NO: 484)	9.000
21	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 485)	8.400
22	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 486)	8.000
23	590	DYLQLTEHGN (SEQ ID NO: 487)	7.500
24	276	LYLHTWAAAV (SEQ ID NO: 488)	7.500
25	401	VGVGLLGLGL (SEQ ID NO: 489)	7.200
26	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 490)	7.200
27	474	MGNNDLTMWL (SEQ ID NO: 491)	7.200
28	187	TGMASRPNW (SEQ ID NO: 492)	7.200
29	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 493)	7.200
30	240	AVLLCLASGL (SEQ ID NO: 494)	7.200
31	356	MMLIIGLNML (SEQ ID NO: 495)	7.200
32	616	MYRGLIRLGY (SEQ ID NO: 496)	7.000
33	677	SYKEGHNYEN (SEQ ID NO: 497)	6.600
34	532	TLTVNISGKL (SEQ ID NO: 498)	6.160
35	614	YIMYRGLIRL (SEQ ID NO: 499)	6.000
36	611	WCEYIMYRGL (SEQ ID NO: 500)	6.000
37	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 501)	6.000
38	510	YPIVKSEHHL (SEQ ID NO: 502)	6.000
39	63	LVNKKWMLTL (SEQ ID NO: 503)	6.000
40	21	LYHDLGPMIY (SEQ ID NO: 504)	6.000

41	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 505)	6.000
42	397	LWLLVGVGLL (SEQ ID NO: 506)	6.000
43	134	VVLRIWYTSL (SEQ ID NO: 507)	6.000
44	366	FGPKKNLDLL (SEQ ID NO: 508)	6.000
45	524	EGEIAPAITL (SEQ ID NO: 509)	6.000
46	25	LGPMIYYFPL (SEQ ID NO: 510)	6.000
47	253	SCLWFRGTGL (SEQ ID NO: 511)	6.000
48	41	GLEGFSIAFL (SEQ ID NO: 512)	6.000
49	4	LWREILLES (SEQ ID NO: 513)	5.760
50	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 514)	5.600

Table XV: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B7 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 515)	240.000
2	344	YARERSDVL (SEQ ID NO: 516)	120.000
3	625	YARISHAEL (SEQ ID NO: 517)	120.000
4	367	GPKKNLDLL (SEQ ID NO: 518)	80.000
5	235	NPFGGAVLL (SEQ ID NO: 519)	80.000
6	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 520)	80.000
7	86	APNAKLRLM (SEQ ID NO: 521)	60.000
8	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 522)	40.000
9	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 523)	40.000
10	135	VLRIWYTSL (SEQ ID NO: 524)	40.000
11	200	AAFGSLVFL (SEQ ID NO: 525)	36.000
12	402	GVGLLGLGL (SEQ ID NO: 526)	20.000
13	350	DVLLGTMML (SEQ ID NO: 527)	20.000
14	400	LVGVGLLGL (SEQ ID NO: 528)	20.000
15	512	IVKSEHLL (SEQ ID NO: 529)	20.000
16	189	MASRPNWLL (SEQ ID NO: 530)	18.000
17	584	SAPGSRDYL (SEQ ID NO: 531)	18.000
18	270	ASAAGLLYL (SEQ ID NO: 532)	12.000
19	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 533)	12.000
20	197	LAGAAFGSL (SEQ ID NO: 534)	12.000
21	47	IAFLSPIFL (SEQ ID NO: 535)	12.000
22	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 536)	12.000
23	354	GTMMLIIGL (SEQ ID NO: 537)	12.000
24	294	TASMWPQTL (SEQ ID NO: 538)	12.000
25	149	YQMSNKVIL (SEQ ID NO: 539)	12.000
26	479	LTMWLGEKL (SEQ ID NO: 540)	12.000
27	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 541)	12.000
28	88	NAKLRLMVL (SEQ ID NO: 542)	12.000
29	298	WPQTLGHLI (SEQ ID NO: 543)	8.000



30	55	LTITPFWKL (SEQ ID NO: 544)	6.000
31	691	HMNTPKYFL (SEQ ID NO: 545)	6.000
32	1	MTSLWREIL (SEQ ID NO: 546)	6.000
33	364	MLFGPKKNL (SEQ ID NO: 547)	6.000
34	284	AVSGCVFAI (SEQ ID NO: 548)	6.000
35	423	APTKEVSAA (SEQ ID NO: 549)	6.000
36	64	VNKKWMLTL (SEQ ID NO: 550)	4.000
37	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 551)	4.000
38	254	CLWFRGTGL (SEQ ID NO: 552)	4.000
39	2	TSLWREILL (SEQ ID NO: 553)	4.000
40	366	FGPKKNLDL (SEQ ID NO: 554)	4.000
41	571	SSSNQVIFL (SEQ ID NO: 555)	4.000
42	151	MSNKVILTL (SEQ ID NO: 556)	4.000
43	109	VTWWSGSHL (SEQ ID NO: 557)	4.000
44	357	MLIIGLNML (SEQ ID NO: 558)	4.000
45	620	LIRLG YARI (SEQ ID NO: 559)	4.000
46	237	FGGAVLLCL (SEQ ID NO: 560)	4.000
47	34	LQTLELTGL (SEQ ID NO: 561)	4.000
48	128	LGQIVLVVL (SEQ ID NO: 562)	4.000
49	268	GTASAAGLL (SEQ ID NO: 563)	4.000
50	316	MTIAMIFYL (SEQ ID NO: 564)	4.000

Table XVI: HLA Peptide Scoring Results 125P5C8 B7 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	585	APGSRDYLQL (SEQ ID NO: 565)	240.000
2	344	YARERSDVLL (SEQ ID NO: 566)	120.000
3	510	YPIVKSEHHL (SEQ ID NO: 567)	80.000
4	367	GPKKNLDLLL (SEQ ID NO: 568)	80.000
5	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 569)	80.000
6	108	AVTWWSGSHL (SEQ ID NO: 570)	60.000
7	240	AVLLCLASGL (SEQ ID NO: 571)	60.000
8	528	APAITLTVNI (SEQ ID NO: 572)	24.000
9	423	APTKEVSAAI (SEQ ID NO: 573)	24.000
10	134	VVLRIWYTSI (SEQ ID NO: 574)	20.000
11	311	NPGKMTIAM (SEQ ID NO: 575)	20.000
12	16	CVSWSLYHDL (SEQ ID NO: 576)	20.000
13	63	LVNKKWMLTL (SEQ ID NO: 577)	20.000
14	86	APNAKLRLMV (SEQ ID NO: 578)	18.000
15	82	ASFQAPNAKL (SEQ ID NO: 579)	18.000
16	187	TGMASRPNWL (SEQ ID NO: 580)	12.000
17	246	ASGLMLPSCL (SEQ ID NO: 581)	12.000
18	269	TASAAGLLYL (SEQ ID NO: 582)	12.000

19	199	GAAFGSLVFL (SEQ ID NO: 583)	12.000
20	614	YIMYRGLRL (SEQ ID NO: 584)	12.000
21	496	STRYHTWGIM (SEQ ID NO: 585)	10.000
22	188	GMASRPNWLL (SEQ ID NO: 586)	6.000
23	363	NMLFGPKKNL (SEQ ID NO: 587)	6.000
24	28	MIYYFPLQTL (SEQ ID NO: 588)	6.000
25	583	TSAPGSRDYL (SEQ ID NO: 589)	6.000
26	54	FLTITPFWKL (SEQ ID NO: 590)	6.000
27	288	CVFAIFTASM (SEQ ID NO: 591)	5.000
28	560	LQAIAVSKLL (SEQ ID NO: 592)	4.000
29	353	LGTMMLIIGL (SEQ ID NO: 593)	4.000
30	4	LWREILLES (SEQ ID NO: 594)	4.000
31	1	MTSLWREILL (SEQ ID NO: 595)	4.000
32	84	FQAPNAKLRL (SEQ ID NO: 596)	4.000
33	253	SCLWFRGTGL (SEQ ID NO: 597)	4.000
34	242	LLCLASGLML (SEQ ID NO: 598)	4.000
35	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 599)	4.000
36	399	LLVGVGLLGL (SEQ ID NO: 600)	4.000
37	293	FTASMWPQTL (SEQ ID NO: 601)	4.000
38	396	FLWLLVGVL (SEQ ID NO: 602)	4.000
39	127	ILGQIVLVVL (SEQ ID NO: 603)	4.000
40	266	VTGTASAAGL (SEQ ID NO: 604)	4.000
41	12	SLLGCVSWSL (SEQ ID NO: 605)	4.000
42	532	TLTVNISGKL (SEQ ID NO: 606)	4.000
43	376	LQTKNSSKVL (SEQ ID NO: 607)	4.000
44	150	QMSNKVILT (SEQ ID NO: 608)	4.000
45	124	WGFILGQIVL (SEQ ID NO: 609)	4.000
46	46	SIAFLSPIFL (SEQ ID NO: 610)	4.000
47	366	FGPKKNLDLL (SEQ ID NO: 611)	4.000
48	474	MGNNDLTMWL (SEQ ID NO: 612)	4.000
49	112	WSGSHLQRYL (SEQ ID NO: 613)	4.000
50	315	TMTIAMIFYL (SEQ ID NO: 614)	4.000

Table XVII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B35 9-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	367	GPKKNLDLL (SEQ ID NO: 615)	60.000
2	86	APNAKLRLM (SEQ ID NO: 616)	40.000
3	471	KPYMGNNDL (SEQ ID NO: 617)	40.000
4	229	HPGDPNPF (SEQ ID NO: 618)	30.000
5	26	GPMIYYFPL (SEQ ID NO: 619)	20.000
6	235	NPFGGAVLL (SEQ ID NO: 620)	20.000
7	344	YARERSDVL (SEQ ID NO: 621)	18.000

8	676	GSYKEGHNY (SEQ ID NO: 622)	15.000
9	644	RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 623)	12.000
10	112	WSGSHLQRY (SEQ ID NO: 624)	10.000
11	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 625)	10.000
12	494	GPSTRYHTW (SEQ ID NO: 626)	10.000
13	583	TSAPGSRDY (SEQ ID NO: 627)	10.000
14	141	TSLNPIWSY (SEQ ID NO: 628)	10.000
15	570	KSSSNQVIF (SEQ ID NO: 629)	10.000
16	88	NAKLRLMVL (SEQ ID NO: 630)	9.000
17	625	YARISHAEL (SEQ ID NO: 631)	9.000
18	298	WPQTLGHLI (SEQ ID NO: 632)	8.000
19	181	KTGEVATGM (SEQ ID NO: 633)	8.000
20	90	KLRLMVLAL (SEQ ID NO: 634)	6.000
21	348	RSDVLLGTM (SEQ ID NO: 635)	6.000
22	269	TASAAGLLY (SEQ ID NO: 636)	6.000
23	17	VSWSLYHDL (SEQ ID NO: 637)	5.000
24	2	TSLWREILL (SEQ ID NO: 638)	5.000
25	270	ASAAGLLYL (SEQ ID NO: 639)	5.000
26	571	SSSNQVIFL (SEQ ID NO: 640)	5.000
27	285	VSGCVFAIF (SEQ ID NO: 641)	5.000
28	151	MSNKVILTTL (SEQ ID NO: 642)	5.000
29	512	IVKSEHLL (SEQ ID NO: 643)	4.500
30	192	RPNWLLAGA (SEQ ID NO: 644)	4.000
31	632	ELSDSEIQM (SEQ ID NO: 645)	4.000
32	233	DPNPFGGAV (SEQ ID NO: 646)	4.000
33	482	WLGEKLGFY (SEQ ID NO: 647)	4.000
34	197	LAGAAFGSL (SEQ ID NO: 648)	3.000
35	96	LALGVSSSL (SEQ ID NO: 649)	3.000
36	330	CAWCTAFKF (SEQ ID NO: 650)	3.000
37	520	LPSPEGEIA (SEQ ID NO: 651)	3.000
38	423	APTKEVSAA (SEQ ID NO: 652)	3.000
39	120	YLRIWGFIL (SEQ ID NO: 653)	3.000
40	466	ESDASKPYM (SEQ ID NO: 654)	3.000
41	64	VNKKWMLTL (SEQ ID NO: 655)	3.000
42	85	QAPNAKLRL (SEQ ID NO: 656)	3.000
43	392	YMKLFLWLL (SEQ ID NO: 657)	3.000
44	561	QAIAVSKLL (SEQ ID NO: 658)	3.000
45	587	GSRDYLQLT (SEQ ID NO: 659)	3.000
46	377	QTKNSSKVL (SEQ ID NO: 660)	3.000
47	388	KSEKYMKLF (SEQ ID NO: 661)	3.000
48	294	TASMWPQTL (SEQ ID NO: 662)	3.000
49	135	VLRIWYTSL (SEQ ID NO: 663)	3.000
50	199	GAAFGSLVF (SEQ ID NO: 664)	3.000

Table XVIII: HLA Peptide Scoring Results – 125P5C8 B35 10-mers			
Rank	Start Position	Subsequence Residue Listing	Score (Estimate of Half Time of Disassociation of a Molecule Containing This Subsequence)
1	367	GPKKNLDLLL (SEQ ID NO: 665)	60.000
2	311	NPGKMTIAM (SEQ ID NO: 666)	40.000
3	585	APGSRDYLQL (SEQ ID NO: 667)	30.000
4	233	DPNPFGGAVL (SEQ ID NO: 668)	20.000
5	510	YPIVKSEHHL (SEQ ID NO: 669)	20.000
6	51	SPIFLTITPF (SEQ ID NO: 670)	20.000
7	344	YARERSDVLL (SEQ ID NO: 671)	18.000
8	19	WSLYHDLGPM (SEQ ID NO: 672)	15.000
9	307	NSGTNPGKTM (SEQ ID NO: 673)	10.000
10	445	SSLERSAHL (SEQ ID NO: 674)	10.000
11	572	SSNQVIFLGY (SEQ ID NO: 675)	10.000
12	570	KSSSNQVIFL (SEQ ID NO: 676)	10.000
13	528	APAITLTVNI (SEQ ID NO: 677)	8.000
14	423	APTKEVSAAI (SEQ ID NO: 678)	8.000
15	430	AAIWPFRRGY (SEQ ID NO: 679)	6.000
16	496	STRYHTWGIM (SEQ ID NO: 680)	6.000
17	348	RSDVLLGTMM (SEQ ID NO: 681)	6.000
18	85	QAPNAKLRLM (SEQ ID NO: 682)	6.000
19	428	VSAAIWPFRR (SEQ ID NO: 683)	5.000
20	45	FSIAFLSPIF (SEQ ID NO: 684)	5.000
21	246	ASGLMLPSCL (SEQ ID NO: 685)	5.000
22	583	TSAPGSRDYL (SEQ ID NO: 686)	5.000
23	444	WSSLERSAHL (SEQ ID NO: 687)	5.000
24	112	WSGSHLQRYL (SEQ ID NO: 688)	5.000
25	82	ASFQAPNAKL (SEQ ID NO: 689)	5.000
26	176	KPEEKKTGEV (SEQ ID NO: 690)	4.800
27	383	KVLFRKSEKY (SEQ ID NO: 691)	4.000
28	471	KPYMGNNDLT (SEQ ID NO: 692)	4.000
29	314	KTMTIAMIFY (SEQ ID NO: 693)	4.000
30	540	KLVDVVVTHF (SEQ ID NO: 694)	4.000
31	86	APNAKLRLMV (SEQ ID NO: 695)	4.000
32	192	RPNWLLAGAA (SEQ ID NO: 696)	4.000
33	281	WAAAVSGCVF (SEQ ID NO: 697)	3.000
34	117	LQRYLRIWGF (SEQ ID NO: 698)	3.000
35	377	QTKNSSKVLV (SEQ ID NO: 699)	3.000
36	199	GAAFGSLVFL (SEQ ID NO: 700)	3.000
37	388	KSEKYMKLFL (SEQ ID NO: 701)	3.000
38	64	VNKKWMLTLL (SEQ ID NO: 702)	3.000
39	269	TASAAGLLYL (SEQ ID NO: 703)	3.000
40	675	FGSYKEGHNY (SEQ ID NO: 704)	3.000

41	102	SSLIVQAVTW (SEQ ID NO: 705)	2.500
42	522	SPEGEIAPAI (SEQ ID NO: 706)	2.400
43	413	KAYERKLGKV (SEQ ID NO: 707)	2.400
44	131	IVLVVLRIWY (SEQ ID NO: 708)	2.000
45	235	NPFGGAVLLC (SEQ ID NO: 709)	2.000
46	355	TMMLIIGLNM (SEQ ID NO: 710)	2.000
47	114	GSHLQRYLRI (SEQ ID NO: 711)	2.000
48	298	WPQTLGHLIN (SEQ ID NO: 712)	2.000
49	406	LGLGLRHKAY (SEQ ID NO: 713)	2.000
50	582	ITSAPGSRDY (SEQ ID NO: 714)	2.000

**Table XIX: Motif-bearing Subsequences of the 125P5C8 Protein**

**Protein Motifs**

Membrane associated protein

Calculated MW 78.6 kDa, pI 8.75

**Multiple Transmembrane Domains**

125P5C8 is modeled to have 10 transmembrane domains listed below

(SEQ ID NOS: 715-724, respectively)

No.	N terminal	transmembrane region	C terminal
1	1	MTSLWREILLESLLGCVSWSLYH	23
2	42	LEGFSIAFLSPIFLTITPFWKLV	64
3	94	MVLALGVSSSLIVQAVTWWSGSH	116
4	120	YLRIWGFILGQIVLVVLRWYTS	142
5	189	MASRPNWLLAGAAFGSLVFLTHW	211
6	238	GGAVLLCLASGLMLPSCLWFRGT	260
7	269	TASAAGLLYLHTWAAAVSGCVFA	291
8	318	IAMFYLLIEFFCAWCTAFKFVP	340
9	350	DVLLGTMMLIIGLNMLFGP	368
10	390	EKYMKLFLWLLVGVGLLGLGLR	411

**Protein Motifs present in 125P5C8:**

319-373(1051) Sodium:solute symporter family

94-145(1009) Sodium:neurotransmitter symporter family

122-137(1005) Sodium:dicarboxylate symporter family

174-194(1009) Amiloride-sensitive sodium channel

118-160(1014) Speract receptor (Scavenger receptor)

242-284(1086) Endothelin

N-glycosylation sites

Number of matches: 3

1 380-383 NSSK (SEQ ID NO: 725)

2 455-458 NETG (SEQ ID NO: 726)

3 536-539 NISG (SEQ ID NO: 727)

#### Protein kinase C phosphorylation sites

Number of matches: 8

1 152-154 SNK

2 381-383 SSK

3 389-391 SEK

4 666-668 SEK

5 496-498 STR

6 538-540 SGK

7 389-391 SEK

8 666-668 SEK

#### Casein kinase II phosphorylation sites

Number of matches: 10

1 40-43 TGLE (SEQ ID NO: 728)

2 170-173 TDGD (SEQ ID NO: 729)

3 175-178 SKPE (SEQ ID NO: 730)

4 445-448 SSLE (SEQ ID NO: 731)

5 457-460 TGAD (SEQ ID NO: 732)

6 463-466 TILE (SEQ ID NO: 733)

7 606-609 TDHD (SEQ ID NO: 734)

8 629-632 SHAE (SEQ ID NO: 735)

9 634-637 SDSE (SEQ ID NO: 736)

10 677-680 SYKE (SEQ ID NO: 737)

Tyrosine kinase phosphorylation sites

Number of matches: 2

- 1 610-617 RWCEYIMY (SEQ ID NO: 738)
- 2 644-652 RIPDDPTNY (SEQ ID NO: 739)

N-myristoylation sites

Number of matches: 7

- 1 79-84 GSIASF (SEQ ID NO: 740)
- 2 99-104 GVSSSL (SEQ ID NO: 741)
- 3 199-204 GAAFGS (SEQ ID NO: 742)
- 4 268-273 GTASAA (SEQ ID NO: 743)
- 5 287-292 GCVFAI (SEQ ID NO: 744)
- 6 309-314 GTNPGK (SEQ ID NO: 745)
- 7 341-346 GGVYAR (SEQ ID NO: 746)